

## 遺伝的アルゴリズムによる血圧推定モデルの同定

加藤 健司\* 白井 治彦\*\* 高橋 勇\*\*  
黒岩 丈介\*\* 小高 知宏\*\* 小倉 久和\*\*

### Identification of the Blood-Pressure Presumption Model by the Genetic Algorithm

Kenji KATOU\*, Haruhiko SHIRAI\*\*, Isamu TAKAHASHI\*\*  
Jousuke KUROIWA\*\*, Tomohiro ODAKA\*\* and Hisakazu OGURA\*\*

(Received August 20, 2003)

In this paper, we propose the model which can give an estimation of aortic blood-pressure wave from peripheral blood-pressure wave. In order to give more precise estimation, it is important to determine two model parameters appropriately from real baboon data. In determining the two parameters, we divide each baboon data with one cycle of blood-pressure wave, and for each cycle data, we perform a real-code Genetic Algorithm (GA). From the results, we could not find unique pair of the two parameters for one baboon data, but the values of the two parameters are different depending on each cycle data.

**Key Words :** Real-Code Genetic Algorithm (GA), Presumption Model, Aortic Blood-Pressure, Peripheral Blood-Pressure

#### 1. はじめに

医用において、人の循環器の機能を診るのに、通常、心拍数、血圧、心血流量、を基本的な指標とする。これは、医療従事者が、患者の循環器機能を監視したり、循環動態の異変を確認するために使う、重要なバイタルサインである。

心拍数 (Heart Rate) は1分間の拍動数で、動脈を触診するだけで容易に計測できる。血圧は、最大血圧/最低血圧のことである。通常は間接的に上腕部でカフ (圧迫帯) の空気圧を水銀で計るが、厳密には動脈にカテーテルを挿入して観血的に計る必要がある。簡易には、指先や橈骨付近の動脈 (親指の付け根当たりの手首を通る動脈) からの血圧波の伝播を自動測定して、その圧波形から最大血圧/最低血

圧を推定することにより非観血的に得ることができ。心血流量は1分間に心臓から流出する血量であるが、心血流量を非観血的に計測するのは容易ではない。観血的には、大動脈 (心臓の大動脈弁付近の動脈) へ股動脈からカテーテルを挿入し、計測するが、患者の負担が極めて大きい。非観血的には電磁流体法などの方法があるが、大掛かりであり、しかも計測精度は良くない。

一般には、心血流量は、心拍出量 (1拍当たりの血流量) と心拍数から推定することができる。心拍出量については、中心血圧 (左心室から大動脈弁でつながる大動脈での血圧) の波形から推定する方法がある。中心血圧波形を、動脈にカテーテルを挿入する等の観血的方法ではなく、非観血的に推定する方法があれば、それから心血流量を推定することが可能となる。ところで、トノメトリは、橈骨血圧波形を自動測定して、血圧を測定・推定するものである。このトノメトリから得られる血圧波形 (末梢血圧波形) から、中心血圧波形が推定できるならば、心血流量を推定することができる。

中心血圧波形は血管系を介して身体の末梢組織へと伝わる末梢血圧波形となる。ここで血管系は血圧

\* 大学院工学研究科知能システム工学専攻

\*\* 知能システム工学科

\* Human and Artificial Intelligent Systems Course,  
Graduate School of Engineering

\*\* Dept. of Human and Artificial Intelligent Systems

波形を中心血圧波形から末梢血圧波形に変換させる伝達関数の役割をはたす。その為、その逆伝達関数が考えられるとしたら末梢血圧波形から中心血圧波形を導き出す事が可能であると考えられる。今回そのような推定モデルを構築する際にウィンドケッセルモデルと呼ばれる血管系の線形的表現モデルを利用した。ウィンドケッセルモデルによって得られた中心血圧波形と末梢血圧波形の関係を表す血管系のモデル式を中心血圧波形推定モデルに用いる。もちろんウィンドケッセルモデルは線形モデルであるから、実際の生体における循環器のモデルとしては、定性的にはともかく、波形を含む定量的なモデルとしては必ずしも十分とはいえない。しかし、中心血圧波形推定モデル同定の方法を検討することが本研究の中心目的であるので、これまでの研究成果が蓄積されているウィンドケッセルモデルを血管系モデルとして採用した。このモデルを用いたもう一つの理由は、パラメータが少なく、扱いやすいからである。

モデルを構築する際には、このモデル中に存在するいくつかのパラメータを同定する必要がある。本研究では、実数値を対象とした遺伝的アルゴリズム (Genetic Algorithm, GA) である、実数値GAを適用し、最適なパラメータの同定を行なった。実数値GAについては第3章で詳しく説明する。本研究では、トノメトリから得られる末梢血圧波形から中心血圧波形を推定し、特徴量を抽出する方法を検討する。そのため、バブーン (大型のヒヒザル) を対象とした実験で得られたデータを用いて、実験する。トノメトリによる末梢血圧波形の計測とカテーテルを利用した中心血圧波形の計測とを同時に行なったデータである。計測は、投薬による血圧制御などを繰り返し、長時間にわたって記録されている。GAでは、中心血圧波形から抽出したいくつかの特徴量を教師信号とし、末梢血圧波形から推定した中心血圧波形の特徴量ができるだけ一致するように、ウィンドケッセルモデルに含まれているいくつかのパラメータの値を、実数値空間で探索する。

以上をまとめると、本研究の目的は以下の通りである。

- ウィンドケッセルモデルのモデル式中に存在するパラメータの最適値を求める手法と、そのために必要な特徴点の自動検出方法を提案する
- 上記の方法から求めたパラメータより作成された推定モデルの有効性を検証する

2章前半では、今回用いた中心血圧波形推定モデルの説明をする。後半では、推定モデル構築の際に行なわれる推定モデルの評価とそこに必要となる血圧波形の特徴点について説明する。3章には、モデルパラメー

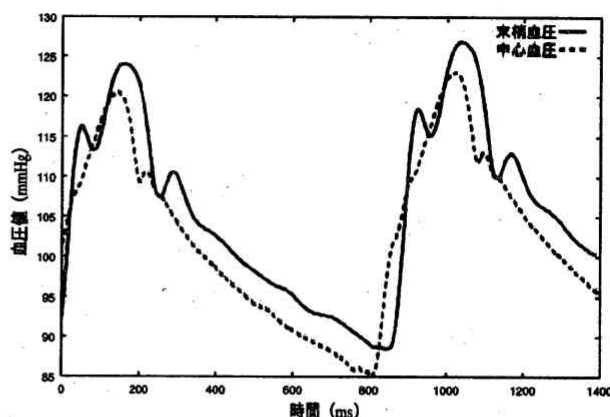


図 1: 中心血圧波形と末梢血圧波形の例

タの最適値探索で用いた実数値GAの流れを述べる。4章,5章では、それらの手法を血圧波形の実データにおいて行なった実験結果とその考察を述べ、最後に6章でこの研究のまとめについて記述した。

## 2 血管系システムと中心血圧波形推定モデル

末梢血管の血圧は、大動脈起部の血圧と有意に違いがあることは周知のことである。大動脈から大きな動脈を通してより小さな径に流れ、動脈樹の第3、第4代の枝まで届く間、平均血圧は僅かに下がる。収縮期血圧の増加と拡張期血圧の少しばかりの低下を相殺した平均血圧の僅かな減少よりも、脈圧や振幅の増大が普通上回る。しかしながら最も重要なことは大動脈から末梢に届く時、動脈波形の形が変えられてしまうことである。図1にあるように中心血圧波形と末梢血圧波形とは有意に違っており、末梢血圧波形はほんの少ししかあるいは全く心筋や弁の機能に関する情報は伝えていない。その為、末梢血圧波形からは直接心拍出量の値を正確に推定することはできない。

そこで末梢血圧波形を元にしてより中心血圧波形に近い形の血圧波形を推定する。これにより、心拍出量を導きだし、循環器機能を監視することを可能とすることを目的とする。本研究ではその第一段階である末梢血圧波形からの中心血圧波形の推定を目的としている。

### 2.1 脈圧波の伝達系としての循環器

循環系は、体内の最も重要な物質輸送網であり、心臓がポンプ、血管系が輸送管の役割をしている。血管系は動脈、毛細血管および静脈で構成されており、体内に限無く血液を循環させることによって、全身の組織に栄養素(酸素を含む)を供給し、組織で生じた老廃物(二酸化炭素を含む)や内分泌腺で生成されたホ



図 2: 血管系

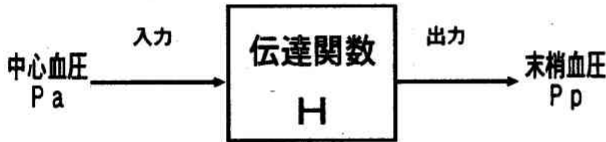


図 3: 伝達関数

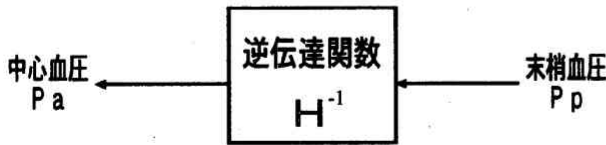


図 4: 逆伝達関数

ルモンなどを特定の組織へ輸送する [1],[2]。

図2に示すように、心臓周辺の血圧である中心血圧は、この血管系というシステムを介して末梢血圧となり末端へ伝わっていく。血管系システムは中心血圧波形  $P_a$  を入力とし、末梢血圧波形  $P_p$  を出力とする汎関数  $H$  とみなすことができる。これを、ここでは伝達関数と呼び、中心血圧波形の推定方法には、血管系システムのこの入出力モデルが一般的に使われている。図3に示すように入出力モデルは、入力の中心血圧波形  $P_a$  から出力の末梢血圧波形  $P_p$  を計算する血管系システムを伝達関数  $H$  とした数学的表現で略図で表わされている。

つまり、

$$H(P_a(t)) = P_p(t) \quad (1)$$

と表わすことができる。ここで関数  $H$  に逆関数  $H^{-1}$  が存在するならば、

$$P_a(t) = H^{-1}(P_p(t)) \quad (2)$$

なる関係が成立する。このことは図4に示すように、逆伝達関数  $H^{-1}$  を用いることにより末梢血圧波形  $P_p$  から中心血圧波形  $P_a$  を求めることが可能であることを示唆する。

本研究では、この逆伝達関数  $H^{-1}$  が存在すると考え、このモデルを求めることで、末梢血圧波形から中心血圧波形を推定することを目指す。逆伝達関数  $H^{-1}$  のモデルを求めることが出来れば、実際に医療の分野においてこのモデルを用い、末梢血圧波形  $P_p$  から推定中心血圧波形  $\hat{P}_a$  を得ることが出来るのである。

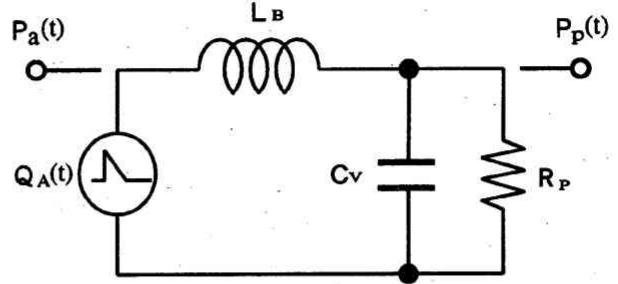


図 5: LRC 回路

## 2.2 循環器系のウィンドケッセルモデル

血管系システムを線形的に表現したものにウィンドケッセルモデルがある。それによると血圧が心臓周辺の中心から身体の手先へ伝わる様子は、図5のような電気回路のLRC回路に置き換えて考えることができる。これは血管系を表現するモデルとして非常によく使われているものである。このLRC回路の中で  $Q_A(t)$  は血流量、 $L_B$  は動脈の弾性的性質、 $R_P$  は血管系の抵抗、 $C_V$  は動脈血管の血流のプールとしての性質、に対応している。

図5のLRC回路に基づいて、中心血圧波形  $P_a(t)$  と末梢血圧波形  $P_p(t)$  の関係は以下のように表わすことができる。

$$P_a(t) = LC \left( \frac{d^2}{dt^2} + \frac{R}{C} \frac{d}{dt} + \frac{1}{LC} \right) P_p(t) \quad (3)$$

ここで、 $\omega_0 = \sqrt{1/LC}$ 、 $\delta = \frac{R}{2\omega_0 L}$  とおくと、

$$P_a(t) = \frac{1}{\omega_0^2} \left( \frac{d^2}{dt^2} + 2\delta\omega_0 \frac{d}{dt} + \omega_0^2 \right) P_p(t) \quad (4)$$

となり、これが血管系のモデル式となる。

本研究ではこのモデル式を末梢血圧波形  $P_p$  から中心血圧波形  $P_a$  を導くための逆伝達関数として用いている。モデル式の中の微分値を本研究では血圧値の実データの差分間値で簡略化する。

## 2.3 中心血圧波形推定モデル

先に述べたように、本研究ではウィンドケッセルモデルからの以下のモデル式を用いて末梢血圧波形  $P_p$  から中心血圧波形  $P_a$  を推定する中心血圧波形推定モデルを構築する。

$$P_a(t) = \frac{1}{\omega_0^2} \left( \frac{d^2}{dt^2} + 2\delta\omega_0 \frac{d}{dt} + \omega_0^2 \right) P_p(t) \quad (5)$$

そのためにモデル式の中のモデルパラメータ ' $\delta$ '、' $\omega_0$ ' の値を推定し、それが末梢血圧波形  $P_p$  から中心血圧波形  $P_a$  により近い推定中心血圧波形  $\hat{P}_a$  の導出ができ

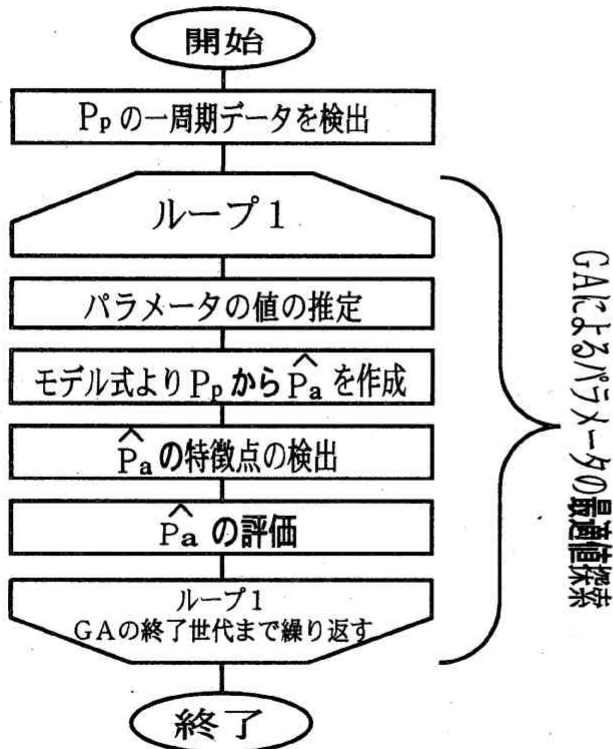


図 6: モデルパラメータの最適値探索の流れ図

るようにする。今回、そのようなモデルパラメータの最適値の探索には実数値GAを用いて行なった。図6はその処理の流れを表わしている。また今回、中心血圧波形推定モデル構築のために研究材料として実験用のバブーン数体分の中心血圧と末梢血圧のデータを用意した。実験用のバブーンは薬剤投与により、血圧、血流、血管系、心拍などが制御された状態で血圧値の採取が行なわれた。用意したデータファイルの中には1msごとにサンプリングされたバブーンの中心血圧値と末梢血圧値が数時間分書き込まれており、それが個体数分存在する。

図6に示したように中心血圧波形推定モデルを構築するにあたって、まず膨大な数の数時間分におよぶ血圧データの中から、実験対象としてある時間地点からの一定時間の血圧データを採り上げる。今回、この一定時間を10000msと設定し、推定モデルの構築実験を複数のバブーンの様々な時間地点において行なった。そして図7に示すようにその一定時間内の血圧波形を一周期ずつの血圧波形に分け、その一周期ずつの血圧波形に於いて、末梢血圧波形 $P_p$ から中心血圧波形 $P_a$ により近い推定中心血圧波形 $\hat{P}_a$ の導出の可能なモデル式を図6の流れで構築する。その構築の方法は、まず末梢血圧波形 $P_p$ の一周期データを元にウィンドケッセルモデルから得たモデル式を用いて推定中心血圧波形 $\hat{P}_a$ を作成する。そして実際の中心血圧波形 $P_a$ の一周期データと比べ、その推定中心血圧波形 $\hat{P}_a$ を評価するという作業を実数値GAによって繰り返し行な

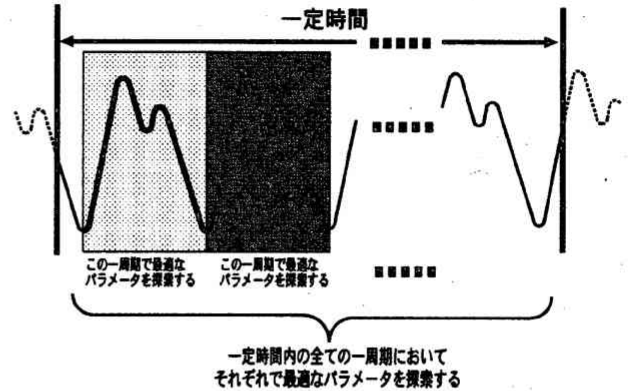


図 7: 実験の手法

う。このようにしてモデルパラメータの最適値を探索する。

以下にモデルパラメータの最適値の探索の流れを説明すると共に推定モデルの評価方法、ならびに血圧波形の中に存在する特徴点の説明をし、今回本研究で用いた実数値GAの手法について記述する。

## 2.4 血圧波形の特徴点とモデル評価

心臓は、血流に圧力をかけることによって血液を体のすみずみまで送りどけるポンプの役割をはたしている。心臓が収縮するとき動脈を流れる血液が最大量るとき最高血圧となり、拡張するときは流れる血液が最小量となり最低血圧となる。また、拡張期に入るとすぐ大動脈弁が閉じ、血圧の変化に“こぶ”が現われる。中心血圧波形、末梢血圧波形ともに血圧波形の一周期の中には以下に述べる特徴的な箇所があり、それぞれ“Diastolic”, “Systolic”, “Notch”と名付けられる。

- Diastolic : 血圧波形の一周期の中の最低点  
(最低血圧点)
- Systolic : 血圧波形の一周期の中の最高点  
(最高血圧点)
- Notch : Systolic と Diastolic の間に現われる  
小さな山の手前のくぼみ  
大動脈弁が閉じたときに現われる

図8は実際の血圧波形の中の“Diastolic”, “Systolic”, “Notch”の位置を表わしたものである。血圧波形の中のこれらの点をまとめて本研究では特徴点と呼ぶことにする。またこれらの特徴点は、モデル構築実験を行なう際に血圧波形を一周期ごとに区切ったり、モデルを評価するのに使われ重要な意味を持つ。

末梢血圧 $P_p$ から推定中心血圧 $\hat{P}_a$ を導き出すために創られた推定モデルを評価するために以下の3点に注目する。つまり推定モデルによって創られた推定中心血圧波形 $\hat{P}_a$ を以下の3点について数値で表わすこ



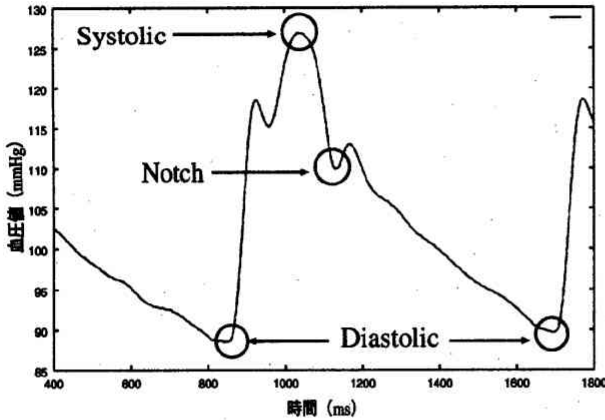


図 8: 血圧波形の特徴点

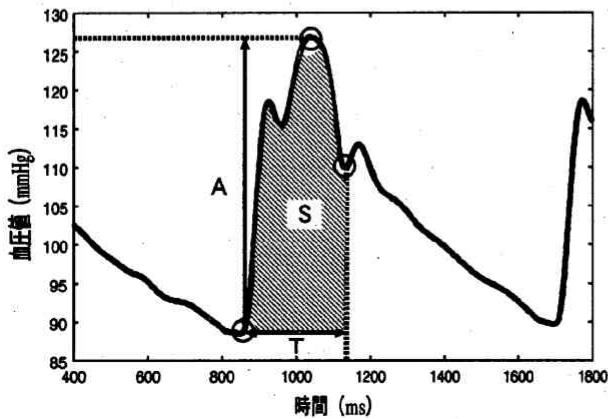


図 9: 推定血圧波形の評価方法

とにより, その  $\hat{P}_a$  を導出した推定モデルを評価するのである. 図 9 は 3 つの評価値を具体的に図で表わしたものである.

- A : Diastolic と Systolic の血圧値の差

$$A = P_{\text{Systolic}} - P_{\text{Diastolic}}$$

- T : Diastolic から Notch に至る時間

$$T = t_{\text{Notch}} - t_{\text{Diastolic}}$$

- S : Diastolic を原点とした時の Diastolic ~Notch の面積

$$S = \int_{\text{Diastolic}}^{\text{Notch}} (P(t) - P_{\text{Diastolic}}) dt$$

評価値 A と T は単純に Diastolic と Systolic の血圧値、Diastolic と Notch の存在する時間の差分により算出される. 評価値 S は Diastolic から Notch に至るまでの 1ms ごとの血圧値を全て Diastolic の血圧値の値を差し引いてから足し合わせる. 今回推定モデルの評価にこのような評価値を選んだ理由として, 当初の目的が心臓の一拍ごとの拍出量を求める事であったからである.

本研究では推定中心血圧波形  $\hat{P}_a$  を中心血圧波形の形ではなく, これらの評価値に関して中心血圧波形の

ものに近づけるようにしている. そのため実際の中心血圧波形  $P_a$  と推定モデルから得られた推定中心血圧波形  $\hat{P}_a$  の 2 つの血圧波形においてそれぞれ上記の 3 つの評価値を求める. そして中心血圧波形  $P_a$  と推定中心血圧波形  $\hat{P}_a$  で評価値を比べ, それぞれの差を次のように  $\Delta A$ ,  $\Delta T$ ,  $\Delta S$  とする.

- $\Delta A = A_{P_a} - A_{\hat{P}_a}$
- $\Delta T = T_{P_a} - T_{\hat{P}_a}$
- $\Delta S = S_{P_a} - S_{\hat{P}_a}$

図 9 に示した評価値に関して推定中心血圧波形  $\hat{P}_a$  を中心血圧波形  $P_a$  に近づけようとしているので, 推定中心血圧波形  $\hat{P}_a$  と中心血圧波形  $P_a$  のそれぞれの評価値の差である  $\Delta A$ ,  $\Delta T$ ,  $\Delta S$  の値の絶対値が小さければ小さい程, その推定モデルは良いモデルとして評価される.

### 3 モデルパラメータの同定のための遺伝的アルゴリズムの構成

先に述べたように中心血圧波形推定モデルの構築実験は血圧波形の一周期ずつに於いて行われる. その為に実験対象として採り上げた血圧波形内の一定時間を Diastolic から次の Diastolic までの一周期ずつに分けてモデルパラメータの最適値探索を行なう. 以下にその探索に用いた実数値 GA を説明する.

#### 3.1 遺伝的アルゴリズムについて

遺伝的アルゴリズム (Genetic Algorithm, GA) とは, 遺伝子の生成, 増殖, 淘汰といった生物の進化過程をコンピュータ上でアルゴリズムとして模式的に表現したものである. 遺伝的アルゴリズムは遺伝子を候補とみなし, それを世代を進めて成長させることで目的の解を得ようとするもので, 扱う問題に対して遺伝子の表現が多様であるのが一つの特徴である. 親遺伝子に交叉や突然変異といった操作が行なわれて, 子遺伝子に受け継がれていくが, その間に淘汰という形で遺伝子の選別がなされ遺伝子が進化していく.

また, 遺伝的アルゴリズムの流れは確率的探索と行うことができ, 計算量を総当たりによる探索と比較して大幅に減らすことができる. これは遺伝的アルゴリズムの持つ独特の遺伝学的流れによるもので, これも特徴の一つである [3], [4].

#### 3.2 実数値空間における遺伝的操作

本研究では GA の遺伝子の表現型を決めるコーディングの際, 1 と 0 の 2 進数で遺伝子を表わす一般的な

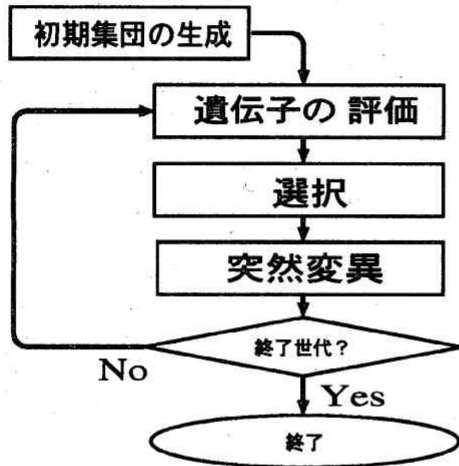


図 10: 未知パラメータ最適値探索の流れ

GAではなく、実数値をそのまま用いる実数値GAを使った。これはこの研究の最適解探索の性質上、実数値をそのまま用いた方がより簡潔と考えたためである。実数値GA等の表現型を直接用いる進化プログラミング(Evolutionary Programming: EP)では一般に個体集合と選択を用いることについてはGAと共通しているが、新しい探索点の生成にはもっぱら突然変異を用いる。図10は本研究で用いた実数値GAの流れ図である。以下にその処理の流れの詳細を順に説明する。

### 3.3 モデルパラメータの同定のためのGA

#### 1. 初期集団の生成

本研究では20個の遺伝子を用いて実数値GAを行なう。一つの遺伝子の中には‘ $\delta$ ’, ‘ $\omega_0$ ’の値が実数値のまま入っている。初めの初期集団の生成で20個の遺伝子にそれぞれ‘ $\delta$ ’, ‘ $\omega_0$ ’の値の初期値を与える。この際、初期値の値を毎回同じ値にする方法と、初期値の値を直前の実験のGAの最終世代の値を用いる方法の二通りの実験を行なった。直前の実験値を用いるのは、同一の実験体において時間の流れと共に未知パラメータの最適値がどう変化するかかの動向を調べるためである。

#### 2. 遺伝子の評価

一つの遺伝子の中にあるモデルパラメータ‘ $\delta$ ’, ‘ $\omega_0$ ’の値と末梢血圧波形  $P_p$  の一周期データを元に、ウィンドケッセルモデルからの次のモデル式より推定中心血圧波形  $\hat{P}_a$  を導出する。

$$\frac{1}{\omega_0^2} \left( \frac{d^2}{dt^2} + 2\delta\omega_0 \frac{d}{dt} + \omega_0^2 \right) P_p(t) = \hat{P}_a(t) \quad (6)$$

ここで式内の一階微分の  $\frac{d}{dt}$  の部分は時刻(t)から(t+1)の間の血圧値の変化量とし、

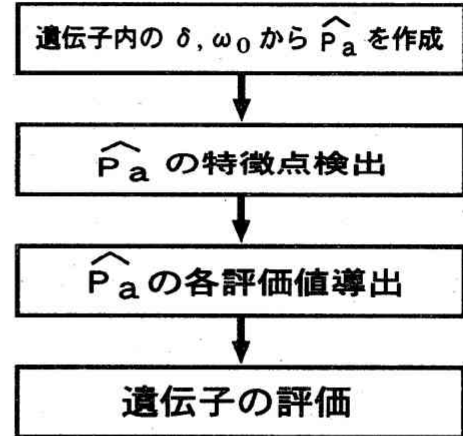


図 11: 遺伝子の評価の流れ

$$\frac{d}{dt} P_p(t) \simeq P_p(t+1) - P_p(t) \quad (7)$$

となる。同じように二階微分の  $\frac{d^2}{dt^2}$  の部分は、

$$\frac{d^2}{dt^2} P_p(t) \simeq \frac{d}{d(t+1)} P_p(t+1) - \frac{d}{dt} P_p(t) \quad (8)$$

と表わすことができる。

この式により導出された推定中心血圧波形  $\hat{P}_a$  の??節で説明した評価値A, T, Sを求める。そして実際の中心血圧波形の評価値A, T, Sと比較した値をGA内の一つの遺伝子の評価値としている。その遺伝子の評価値は以下の評価関数により求める。

$$\text{GA評価関数} = 100 * \left( \left| \frac{A_{P_a} - A_{\hat{P}_a}}{A_{P_a}} \right| + \left| \frac{T_{P_a} - T_{\hat{P}_a}}{T_{P_a}} \right| + 10 * \left| \frac{S_{P_a} - S_{\hat{P}_a}}{S_{P_a}} \right| \right) \quad (9)$$

但し、 $A_{P_a}, T_{P_a}, S_{P_a}$  は  $P_a$  の、 $A_{\hat{P}_a}, T_{\hat{P}_a}, S_{\hat{P}_a}$  は  $\hat{P}_a$  の評価値A, T, Sのそれぞれの値である。

評価関数は  $\hat{P}_a$  と  $P_a$  の誤差に対する値であり、評価関数の値が小さい程、 $\hat{P}_a$  と  $P_a$  は近似していることになる。評価値Sの項に重みを付けてあるのは、当初の目的が心臓の一拍ごとの拍出量の情報を知ることであったので、面積の値をより優先的に正確に求められる様にしてある。

この作業を遺伝子の個体数の数だけ繰り返す行ない、全ての遺伝子の評価値を求める。

#### 3. 選択

次世代の遺伝子集団を生成する為の遺伝子を一代当たり20個の遺伝子の中から10個体選ぶ。今回その選択方法としてトーナメント選択法を用いた。トーナメント選択とは、個体集団の中から対

戦相手の個体をランダムに一定数選び、順に基準個体との評価値の比較を行なう。これを基準個体を順に変えて繰り返す。今回の場合だと評価値の比較でより評価値の小さい方を勝ちとし、最終的に勝数の多い上位10個体を次世代の遺伝子集団を生成する為の遺伝子としている。

#### 4. 突然変異

今回の実数値GAでは、先に述べたように新しい探索点の生成にはもっぱら突然変異を用いる。トーナメント選択によって選ばれた次世代の遺伝子集団を生成する為の遺伝子に突然変異は施される。選ばれた10個の遺伝子にそれぞれ正規乱数を加え、遺伝子内の‘ $\delta$ ’か‘ $\omega_0$ ’のどちらかの値を変化させる。この突然変異により選ばれた10個の遺伝子とは別に新たに10個の遺伝子を生成する。突然変異の際に、元の遺伝子に加える正規乱数は以下の通りである。

$$N(0, \frac{fitness - \min f}{\max f - \min f} + 0.01) \quad (10)$$

平均が0、分散が適応度に応じた値である正規乱数を、元の遺伝子の‘ $\delta$ ’か‘ $\omega_0$ ’のどちらかに加える。ここでは $\max f, \min f$ は、それぞれ個体群中の最大、最小適応度を表す。元の10個の遺伝子と、突然変異によって生成された10個の遺伝子の合計20個体が次世代の遺伝子集団となる。

以上に説明した手順で中心血圧波形推定モデルの構築実験を行なう。

## 4 モデルパラメータ探索実験

### 4.1 実験条件

2章でも触れたように、本研究では中心血圧推定モデル構築の研究材料としてバブーンの血圧データを用いた。実験で使ったバブーンの血圧データは10件分であり、それぞれが異なる波形の形を成している。それに加えて同一のバブーンであっても測定時間によってその形は変化してくる。またバブーンの種類によってはノイズによる波形の振動が大きく見られる血圧波形もある。実験はこれらの血圧データを用いてモデルパラメータの最適値を実数値GAにより求める。

パラメータの最適値を求める実数値GAの終了世代は今回100世代とした。また遺伝子の初期集団の用い方によって2通りの実験を行なった。一つはそれぞれ毎回同じ遺伝子の初期集団を用いる固定した初期集団の場合である。もう一つは直前の一周データの実験

での終了世代集団が次の一周データでの実験の初期集団となる、連続した初期集団の場合である。初期集団の用い方を2通り行なったのは、血圧波形が測定時間と供にその形を変えるためモデルパラメータの値の移り変りの違いを調べるためである。それぞれでの実験結果を以下に示す。

### 4.2 パラメータ最適値分布

図12,13はある1件の同一のバブーンの血圧データ、約280周期分の複数の一周データでモデルパラメータ最適値探索実験を行ない、それぞれ得たパラメータの値の分布である。図12は上に述べたように実数値GAの遺伝子の初期集団を固定した場合での結果であり、図13は初期集団を連続的に変動させた場合の結果である。一周データごとのパラメータ最適値探索実験の順番は測定時間の順番で行なわれており、図13では実験ごとに順番に分布を線で結んである。

図12の実数値GAの遺伝子の初期集団を固定した場合での実験結果では $\omega_0$ の小さな値でいくつかの固まった集中分布が見えるものの、全体的に見ると $\delta, \omega_0$ ともに散らばって広範囲に渡り分布している。図13の連続した初期集団を用いた場合では、図12とは違った分布をしており、パラメータの分布が実験の順番で徐々に移動しているが、それは一方向ではなく分布図の中を様々に移動している。また場合によっては隣り合う一周データで突然全く異なるパラメータの分布を示すことも確認できた。こちらも図12と同じように広範囲にパラメータが分布する結果となった。

表1, 2は図12,13のパラメータの分布を得たそれぞれの実験での推定中心血圧波形 $\hat{P}_a$ と中心血圧波形 $P_a$ 、末梢血圧波形 $P_p$ と中心血圧波形 $P_a$ の評価値の誤差の平均値と標準偏差を表わしている。表1, 2に示すように血圧波形の一周データごとのモデル構築実験では多くの場合で推定中心血圧波形 $\hat{P}_a$ の評価値の値を末梢血圧波形 $P_p$ に比べ大幅に中心血圧波形 $P_a$ に近づける結果となった。またGAの遺伝子の初期集団の値を固定した場合と連続的に変動した場合では、固定した場合の方が中心血圧波形 $P_a$ がより推定中心血圧波形 $\hat{P}_a$ に近づける結果となった。

### 4.3 推定中心血圧波形

図14, 15は血圧波形の一周データと実験によって得られたそれぞれのパラメータの最適値を用いて作られた推定中心血圧波形 $\hat{P}_a$ の一例である。表3, 4はその時のそれぞれの各波形の各評価値を示す。

図14の例では中心血圧波形 $P_a$ と末梢血圧波形 $P_p$ の評価値Sの値が大きく異なり、推定中心血圧波形 $\hat{P}_a$

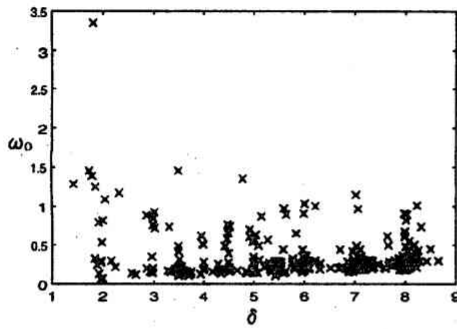


図 12: 固定初期集団でのパラメータ分布

表 1: 初期集団を固定した実験 (図 12) での  $\hat{P}_a, P_a, P_p$  の各評価値の誤差の平均値

-	$\hat{P}_a$ と $P_a$ の比較	$P_p$ と $P_a$ の比較
$\Delta A$	$26.837 \pm 15.852$	$4.304 \pm 1.855$
$\Delta T$	$86.610 \pm 44.051$	$80.056 \pm 45.412$
$\Delta S$	$116.739 \pm 609.147$	$1247.800 \pm 826.129$

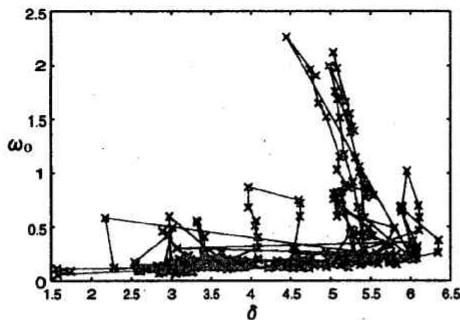


図 13: 連続初期集団でのパラメータ分布

表 2: 初期集団を連続させた実験 (図 13) での  $\hat{P}_a, P_a, P_p$  の各評価値の誤差の平均値

-	$\hat{P}_a$ と $P_a$ の比較	$P_p$ と $P_a$ の比較
$\Delta A$	$26.226 \pm 16.314$	$4.304 \pm 1.855$
$\Delta T$	$89.847 \pm 48.862$	$80.056 \pm 45.412$
$\Delta S$	$230.683 \pm 762.134$	$1247.800 \pm 826.129$

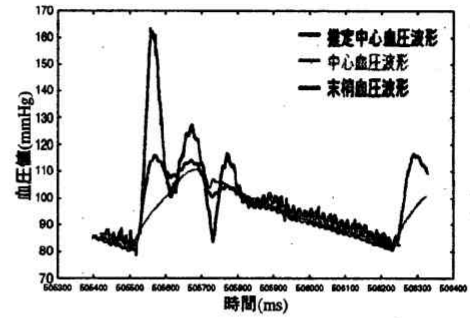


図 14: 振幅の増大による評価値 S の近似の例

表 3: 図 14 の波形での各評価値

-	$\hat{P}_a$	$P_a$	$P_p$
評価値 A	83.355	30.500	35.501
評価値 T	117	224	116
評価値 S	4304.940	4304.679	2491.553

は波形の振幅を大きくして評価値 S を中心血圧波形  $P_a$  に近づける結果となった。

図 15 の例では末梢血圧波形  $P_p$  は図中の右側の四角印の位置を特徴点の Notch としていたが、推定中心血圧波形  $\hat{P}_a$  は末梢血圧波形  $P_p$  から推定中心血圧波形  $\hat{P}_a$  を導く際に微かな血圧波形の変化により、末梢血圧波形  $P_p$  の Notch 位置とは大きく異なる場所に山とくぼみが表われ、図中の左側の丸印の位置を Notch 位置として検出した。その為、評価値 T の大きな変化により評価値 S を中心血圧波形  $P_a$  に近づける形となった。しかし図 15 のような場合は血圧波形の小さな変化により偶然的に評価値 S を中心血圧波形  $P_a$  に近づけるに至っただけである。

実験の結果、中心血圧波形推定モデルから得られた推定中心血圧波形  $\hat{P}_a$  は、多くの場合で図 14 の例のように波形の形を変え、中心血圧波形  $P_a$  に近づける結果となった。しかし中には図 15 の例のように、微妙な血圧波形の変化によって Notch 位置が変わり、中心血圧波形  $P_a$  に近づける評価を得たものもあった。

## 5 考察

今回のモデルパラメータ探索実験の結果、最適と思われる未知パラメータは広範囲に渡り分布している。これらの結果は時間とともに変化する血圧波形の形の異なりによるものと考えられる。一周期データごとのパラメータ探索実験でそれぞれの血圧波形が同一のパターンであっても形が異なるため、得られる未知パラメータの値もそれぞれ異なる。また 2 つのパラメータの組み合わせも、異なる組み合わせでも評価値では近いものに



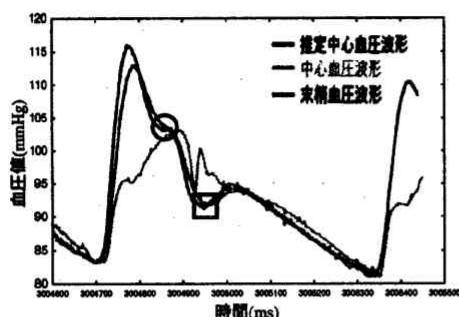


図 15: Notch 位置の変化による評価値  $S$  の近似の例

表 4: 図 15 の波形での各評価値

-	$\hat{P}_a$	$P_a$	$P_p$
評価値 A	33.033	19.901	29.860
評価値 T	154	227	247
評価値 S	3205.011	2954.808	4336.856

なる場合もある。そのため GA の遺伝子の初期集団が固定と連続で異なるそれぞれの実験では、初期集団の値に依存して異なった未知パラメータの分布が表われたと考える。

推定モデルによって得られた推定中心血圧波形  $\hat{P}_a$  は、多くの場合でその波形の形を変え、中心血圧波形  $P_a$  に評価値  $S$  の値を近づけるに至った。このような結果では一周期データごとの推定モデルの構築は成功と言える。しかし一部では先に述べたように、血圧波形の微かな血圧値の振動とあるモデルパラメータの組み合わせにより、偶然的に評価値  $S$  の値を中心血圧波形  $P_a$  に近づける結果を得たものもあった。それはたまたま中心血圧波形  $P_a$  に評価値  $S$  の値を近づいただけであり、そのような結果から得られたパラメータの値は全ての血圧波形に普遍的に使えるものではない。この結果の原因として GA の評価関数の評価値  $S$  の値を大きく重視するように設計した為と思われる。今回の実験では 3 章に示すように、GA の評価関数を評価値  $S$  に重みを加え、それを重視する関数とした。評価値  $S$  が研究の当初の目的である心臓の一拍の拍出量の情報を得る最も重要な値と考えた為である。そのため推定中心血圧波形  $\hat{P}_a$  は多くの場合で評価値  $S$  の値で中心血圧波形  $P_a$  に近づく結果となった。そして場合によっては Notch 位置の評価値がほとんど考慮されない、上記のような普遍的に出来ないパラメータの値を得る結果に至ったと考えられる。またこのような結果も未知パラメータの広範囲の分布の原因の一つと考えられる。

## 6 まとめと今後の課題

本研究では、測定困難な中心血圧波形を末梢血圧波形から推定可能にする推定モデルの構築を行なった。その為にウィンドケッセルモデルを元にした中心血圧波形推定モデル式の中に存在するモデルパラメータの最適値を、実数値 GA を用いて探索した。

中心血圧波形推定モデル構築実験では、今回一周期ごとの血圧データに関して、推定中心血圧波形を中心血圧波形に近づけるモデルパラメータを探索している。結果として、多くの場合に於いて一周期ごとの血圧データで推定モデルの構築に成功した。しかし最適と思われるモデルパラメータの値は広範囲に渡って分布しており、特定の値に絞り込むには至らなかった。その原因としては、同一のパブーンであっても時間により血圧波形が刻々と変化していることが挙げられる。また推定中心血圧波形を導く際に、血圧波形の微かな変化による Notch 位置の移動の中心血圧波形の評価値近似が見られる箇所もあった。このような場合は推定モデルの構築には成功していない。

今後の課題としては、まず今回モデル式のモデルパラメータを特定の値に絞り込むに至らなかった原因である、血圧波形の時間による変化に対して、今後どのように対処していくかの、その方法を検討する必要がある。また血圧波形の微かな変化による Notch 位置の移動の中心血圧波形の評価値近似に関しては、実数値 GA 内で用いられる評価関数を最適なものとするため、血圧データの統計を基にした評価関数の検討をする必要があると思われる。

## 参考文献

- [1] 斉藤正男：生体工学，コロナ社（1985）
- [2] 菅原基晃・前田信治：血液のレオロジーと血流，コロナ社（2003）
- [3] 小倉久和・小高知宏：人工知能システムの構成，近代科学社（2001）
- [4] 三宮信夫・喜多一・玉置久・岩本貴司：遺伝的アルゴリズムと最適化，朝倉書店（1998）